
Resistenzzüchtung / Widerstandsfähigkeit

096 - Data Mining Verfahren zur Interpretation hyperspektraler Dynamiken für die Erkennung von Pflanzenkrankheiten und für die Phänotypisierung

Data mining of hyperspectral dynamics for the detection of plant diseases and for plant phenotyping

Mirwaes Wahabzada, Matheus Kuska, Stefan Thomas, Anne-Katrin Mahlein

Universität Bonn, Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz, Phytomedizin - Abteilung Pflanzenkrankheiten, Meckenheimer Allee 166 a, 53115 Bonn

Hyperspektrale Sensormessungen haben sich als eine effiziente Methode für nicht-invasive Analyse und Erfassung von Pflanzenstress wie Krankheiten erwiesen (Mahlein 2016). Diese Art der sensor-basierten Pflanzenphänotypisierung erlaubt die Erkennung von spektralen Charakteristiken der Pflanzen welche mit der Struktur und der biochemischen Zusammensetzung der Pflanze unter Krankheitsbefall korrelieren. Bei der Analyse dieser Daten werden Forscher mit massiven, hoch-dimensionalen und temporalen Messungen konfrontiert (Wahabzada et al. 2016).

Dies stellt neue Herausforderungen an die verwendeten Methoden, insbesondere in Bezug auf die Skalierbarkeit und Interpretation der Daten. Um einen automatisierten und effizienten Ansatz zu erreichen wurden Methoden aus den Bereichen Data Mining und Maschinelles Lernen angepasst und optimiert. Hierdurch ist es möglich aus hochdimensionale Daten nicht-invasiv Prozesse während der Pathogenese oder Resistenzreaktion automatisch zu identifizieren (Wahabzada et al. 2015). Data Mining und Maschinelles Lernverfahren können in vielfältigen phytomedizinischen Fragestellungen neue Lösungen erarbeiten und Prozesse beschleunigen.

Literatur

Mahlein A.-K., 2016. Plant disease detection by imaging sensors – parallels and specific demands for precision agriculture and plant phenotyping. *Plant Disease* **100** (2),241-251.

Wahabzada M., Mahlein A.-K., Bauckhage C., Steiner U., Oerke E.-C., Kersting K. 2016. Plant phenotyping using probabilistic topic models: Uncovering the hyperspectral language of plants. *Scientific Reports* **6**:22482

Wahabzada M., Mahlein A.-K., Bauckhage C., Steiner U., Oerke E.-C., Kersting K. 2015. Metro Maps of Plant Disease Dynamics - Automated Mining of Differences Using Hyperspectral Images. *PLoS ONE* **10**(1): e0116902.

097 - Bewertung von anfälligen und resistenten Gerstenpflanzen mittels hyperspektralen Reflexions- und Transmissionsaufnahmen

Assessment of susceptible and resistant Barley plants through hyperspectral reflection and transmission measurement

Stefan Thomas^{1,2}, Mirwaes Wahabzada¹, Uwe Rascher², Anne-Katrin Mahlein¹

¹Institut für Nutzpflanzenwissenschaft und Ressourcenschutz-Phytomedizin, Universität Bonn, Deutschland

²IBG2: Plant Sciences, Forschungszentrum Jülich GMBH, Deutschland, stefan.thomas@uni-bonn.de

Eine wesentliche Maßnahme gegen Befall mit Echten Mehltau im Gerstenanbau ist die Anpflanzung von resistenten Sorten. Bei der Entwicklung resistenter Sorten ist der Phänotypisierungsvorgang ein entscheidender Prozess. Hyperspektrale Sensoren bieten eine objektive, automatisierte Möglichkeit zur Erfassung von Gerstensorten mit

unterschiedlicher Anfälligkeit gegenüber Befall mit echtem Mehltau. Die optischen Eigenschaften von Pflanzen sind charakterisiert durch Reflexion, Transmission und Absorption von einfallendem Licht. Diese ist je nach Wellenlänge spezifisch und von der Oberflächenstruktur, sowie der chemischen Zusammensetzung des Gewebes einer Pflanze abhängig. Somit können durch Messung dieser Parameter Rückschlüsse auf die physiologischen Eigenschaften von Pflanzen, und deren Veränderung während einer Infektion durch Pathogene erfasst werden.

Zeitreihenmessungen an Blättern von nahe-isogenen Linien cv. Ingrid (WT, M.C. 20) verdeutlichen einen Nutzen der simultanen Erfassung von Transmission und Reflexion mittels hyperspektraler Sensoren zur Ermittlung der Mehltauanfälligkeit. Eine sensorische Differenzierung der Genotypen erfolgte mittels Hauptkomponentenanalyse. Die gewonnen Erkenntnisse bieten die Grundlage für Anwendungen auf Bestandes und Feldebene.

098 - Biologische Interpretation hyperspektraler Signaturen von Mla- und mlo-Gen basierenden Resistenzreaktionen der Gerste gegenüber *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*

Biological interpretation of hyperspectral signatures by barley Mla and mlo gene based resistance reactions against Blumeria graminis f. sp. hordei

Matheus Thomas Kuska, Mirwaes Wahabzada, Stefan Thomas, Sina Tueffers, Heinz-Wilhelm Dehne, Ulrike Steiner, Erich-Christian Oerke, Anne-Katrin Mahlein

Universität Bonn, Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz- Phytomedizin, Abteilung Pflanzenkrankheiten, Meckenheimer Allee 166 a, 53115 Bonn, mkuska@uni-bonn.de

In der Pflanzenzüchtung ist eine Steigerung der Effizienz von Phänotypisierungsprozessen wünschenswert. Hyperspektrale Sensorverfahren haben sich als vielversprechende Methode zur nicht-invasiven Erfassung von Pflanzenkrankheiten und zur Bewertung von Resistenzen erwiesen (Leucker *et al.*, 2016). Zelluläre Veränderungen einer Abwehrreaktion können durch ein hochauflösendes hyperspektrales Messverfahren sehr sensitiv und multi-temporal erfasst werden (Kuska *et al.*, 2015).

Beginnend nach der Inokulation von Gerste mit *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* (*Bgh*) wurden Resistenz-spezifische spektrale Signaturen an *mlo3*- und *Mla1*- resistenten, nah-isogenen Linien der Sorte Ingrid und Pallas erfasst. Histologische Untersuchungen ermöglichten eine genaue Erfassung der Entwicklungsstadien von *Bgh* sowie der Resistenzantworten der Gerste anhand von lokalen H₂O₂ Akkumulationen. Änderungen in der hyperspektralen Reflektion über einen Zeitraum von bis zu 8 Tagen konnten den histologischen Beobachtungen zugeordnet werden.

Diese Beobachtungen ermöglichen eine biologische Interpretation der hyperspektralen Signaturen während einer Pathogenese und einer Resistenzantwort.

Literatur:

Leucker M., Mahlein A.-K., Steiner U., Oerke E.-C., 2016. Improvement of lesion phenotyping in *Cercospora beticola*-sugar beet interaction by hyperspectral imaging. *Phytopathology* **2**,177-184.

Kuska M., Wahabzada M., Leucker M., Dehne H.-W., Kersting K., Oerke E.-C., Steiner U., Mahlein A.-K., 2015. Hyperspectral phenotyping on the microscopic scale: towards automated characterization of plant-pathogen interactions. *Plant Methods* **11**, 28.

102 - Untersuchungen zur Stabilität der Anfälligkeit von deutschen Winterweizensorten gegenüber Ährenfusarium

Investigations on the stable susceptibility against Fusarium head blight in German winter wheat varieties

Bernd Rodemann, Horst Mielke

Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, bernd.rodemann@julius-kuehn.de

Das Auftreten von zahlreichen Fusarium-Arten in diversen Kulturen führt zu Pflanzenschäden und ist häufig verbunden mit der Bildung von Mykotoxinen im Pflanzengewebe. Insbesondere das Auftreten der Ährenfusariosen führt neben Ertragsschäden auch zu starker Toxinbelastung, so dass die qualitativen Verluste sowohl die Verwendung für die menschliche Ernährung als auch die tierische Verwertung erheblich einschränken. Mittlerweile wurden für verschiedene Getreidearten auf der Basis der geltenden EU-VO 1881/2006 und 1126/2007 Höchstmengen für verschiedene Fusariumtoxine festgelegt.

Für die Einstufung der Sorten werden am JKI-Versuchsstandort Ahlum seit mehr als 15 Jahren Untersuchungen zur Anfälligkeit von Weizensorten gegenüber Ährenfusarium durchgeführt. Dazu werden die Testgenotypen mit einer Konidiensuspension von *Fusarium culmorum* / *Fusarium graminearum* inokuliert. Anschließend wurden die Befallssymptome „severity“ und „incidence“ visuell über einen Zeitraum 4-5 Wochen nach der Inokulation erfasst und der „fusarium head blight“ errechnet. In weiteren Laboruntersuchungen wurde die Deoxynivalenolbelastung (DON) in den Körnern analysiert. Als Standardsorten wurden im Testzeitraum Bussard, Julius, JB Asano, Opal, Opus, Ritmo, Tabasco, Toras und Winnetou verwendet.

Über einen Zeitraum von 2011 bis 2015 wurde eine Korrelation zwischen DON-Belastung und Fusarium-Ährenbefall (FHB) von $r = 0,90^{**}$ festgestellt. Für die Einstufung nach den Parametern FHB / DON konnte für Toras ein APS-Notenpaar von (2/2), für Bussard ein (3/3) und für Ritmo ein (9/9) ermittelt werden. Die Einstufungen aus dem Jahr der Zulassung wurden somit bestätigt. Für die Einstufung nach dem visuellen Ährenbefall konnten zwischen den Jahren Korrelationen von $r = 0,75^{**}$ bis $0,90^{**}$ ermittelt werden, während die Spanne für den DON-Wert zwischen $r = 0,72^{**}$ und $0,85^{**}$ variierte.

Bei den Standardsorten konnte somit keine Abnahme der Resistenz (=geringe Anfälligkeit) bis zum Jahr 2015 festgestellt werden. In den Untersuchungen konnte keine Anpassung der Fusarium-Erreger durch Bildung neuer Virulenzgene nachgewiesen werden.

Im Rahmen eines Integrierten Bekämpfungsverfahrens zur Vermeidung von Ährenfusariumbefall und der Mykotoxinbelastung im Erntegut bilden der Anbau von Sorten mit geringer Anfälligkeit basierend auf der Sortengenetik und der Stabilität der Sorteneinstufung neben der Minimierung anderer Risikofaktoren wie Vorfrucht, Bodenbearbeitung und Fungizideinsatz den wesentlichen Baustein.

103 - Freilandstudie 2012 bis 2015 zur Anfälligkeit von Weizensortimenten gegenüber Weizengallmücken und der Fritfliege

Study 2012-2015 concerning susceptibility of winter- and spring wheat lines to Contarinia tritici, Sitodiplosis mosellana and Oscinella frit

Marie Roth, Charlotte Clemez, Antje Oertel, Richard Wagner, Christa Volkmar, Andreas Börner, Ulrike Lohwasser

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, marie.roth@student.uni-halle.de

Durch den Wandel der klimatischen Bedingungen in Europa entsteht ein sich veränderndes Gefährdungspotenzial durch Schädlinge am Weizen (MIEDANER 2011). Um darauf reagieren zu können, wurden in den Versuchsjahren 2011 bis 2015 an verschiedenen Standorten in einem Sommerweizensortiment und einem Winterweizensortiment die Schadinsekten Weizengallmücke (*S. mosellana*, *C. tritici*) und Fritfliege (*Oscinella frit*) erfasst. Ziel dieser Untersuchung war es, mögliche Resistenzen der Herkunftste aufzuzeigen. Zur Datenerhebung dienten Pheromonfallen, Weißschalen und Sichtbonituren im Feld sowie Ährenbonituren im Labor. Die Ergebnisse wurden durch die assoziationsgenetische Analyse mit Hilfe der Programme TASSEL und STRUCTURE ausgewertet, um verantwortliche Gene für mögliche Resistenzen aufzuzeigen. Es wurden in den Versuchsjahren zahlreiche Marker-Merkmal-Assoziationen (MTA) auf verschiedenen Chromosomen des Weizens gefunden. Die Resultate sind in Bachelor- und Masterarbeiten erfasst und in Tabelle 1 aufgelistet. Einige der Arbeiten werden im Literaturverzeichnis ausgewiesen. Aus den mehrjährigen Untersuchungen wird deutlich, dass erhebliche Unterschiede zwischen den verschiedenen Jahren und Standorten bestehen. Die Variabilität der Beobachtungen ist durch klimatische und agronomische Faktoren zu erklären.

Durch die mehrjährige Versuchsreihe konnten wichtige Informationen über das Resistenzpotenzial der Winter- und Sommerweizensortimente zusammengetragen werden.

Ergebnisse der Assoziationsstudien von Winterweizensortiment „Boris 96“ (WW) und dem Sommerweizensortiment (SW) an den Standorten IPK Gatersleben (GA), JKI Quedlinburg (QB) und der Firma Limagrain Rosenthal (RO)

Objekt	Standort	Versuchsjahre	Anzahl MTA
WW, <i>S. mosellana</i>, <i>C. tritici</i>	GA	2011-2014	53+20+44+19
WW, <i>S. mosellana</i>, <i>C. tritici</i>	QB	2012, 2013, 2015	15+35+67
WW, <i>S. mosellana</i>, <i>C. tritici</i>	RO	2012, 2013	30+26
SW, <i>S. mosellana</i>, <i>C. tritici</i>	GA	2012-2015	109+134+90+212
SW, <i>Oscinella frit</i>	GA	2013-2015	7+34+33
WW, <i>Oscinella frit</i>	GA	2013-2014	5+18
SW, <i>Oscinella frit</i>	QB	2014	66
WW, <i>Oscinella frit</i>	QB	2013-2014	4+9

Literatur:

- Clemenz, C. et al. (2015): Freilandstudie zur Anfälligkeit von Weizensortimenten gegenüber verschiedenen Getreideschädlingen. Mitt. Dtsch. Ges. allg. angew. Ent. 20, 209- 212.
- Clemenz, C. et al (2014): Assoziationsstudie zur Prüfung von Winter- und Sommerweizensortimenten auf Anfälligkeit gegenüber Schadinsekten. Julius-Kühn-Archiv: 447, 389.
- Fuchs, F. (2015): Zweijährige Untersuchung des Winterweizensortimentes Boris 96 am Standort Peine/Rosenthal (2012/2013) - Masterarbeit, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.
- Horn, J. (2016): Genomweite Assoziationsstudie im Winterweizensortiment „Boris 96“ zur Anfälligkeit gegenüber Contarinia tritici (Kirby) und Sitodiplosis mosellana (Géhin) am JKI Quedlinburg 2012/2013 - Masterarbeit, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.
- Miedander, T. (2011): Resistenzgenetik und Resistenzzüchtung- DLG-Verlag GmbH, Frankfurt (Main), 152 pp.

Oertel, A. (2016): Prüfung von Sommerweizenherkünften auf ihre Anfälligkeit gegenüber Thysanopteren und Weizengallmücken am Standort Gattersleben – Masterarbeit, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.

104 - Screening von Reisgenotypen mit Majorresistenzen gegen den Erreger der Reisbräune in verschiedenen Wachstumsstadien

Screening of different growth stages of rice genotypes harboring major genes for resistance against rice blast

Murielle Fantodji¹, Bonaventure Ahohuendo², Drissa Silue³, Birger Koopmann¹, Andreas von Tiedemann¹

¹University of Göttingen, Department of Crop Sciences, Göttingen, Germany

²University of Abomey-Calavi, Benin

³Africa Rice Center, Benin

Rice blast disease caused by *Magnaporthe oryzae* continues to be one of the most devastating fungal diseases of rice, particularly as it rapidly adapts to newly released and resistant varieties harboring single major resistance genes. However, available resistance genes were never reported to fail all at one time thus offering the option to stack selected genes for providing durable resistance to rice blast. It is therefore required to identify locally efficient resistance genes and introgress them in popular and high-yielding varieties for improving blast resistance of rice. To this end, the susceptibility to rice blast of 16 genotypes (2 susceptible and 2 resistant controls and 12 to be evaluated based on their resistant phenotype previously observed in the field) from the Africa Rice Center in Benin was evaluated using two distinct inoculation methods (spot and standard spraying methods under controlled (detached leaf assay) and greenhouse conditions, respectively, at seedling and tillering stage). Disease assessment was performed five times at two day intervals starting from the initiation of the disease until the disease reached 100% severity in the susceptible check. Data analysis was performed using means of Disease Severity (DS) and Area Under Disease Progress Curve (AUDPC). The results revealed that the different inoculation methods were successful in discerning rice genotypes for blast resistance. In the standard method, except Maratelli and CO39 (susceptible controls) which were scored as highly susceptible (DS from 80.7 to 100%) and Moroberekan and Tetep (resistant controls) which were scored as resistant and moderately resistant (DS from 1.13 to 18.7%), all other genotypes displayed various disease severity scored from resistant to moderately resistant (DS from 0 to 27.3%). Analysis of data showed that all the genotypes showing phenotypes from resistant to moderately resistant expressed the lowest AUDPC (0 to 198.9) while the susceptible controls expressed the highest AUDPC (409.7 to 632.7). Thus, this study demonstrates the power of different blast screening methods and indicates correlations between growth stage and disease development. The results will be useful for an early selection of elite disease tolerant genotypes that will resist where rice blast is prevalent. In addition, these identified resistant genotypes will serve as a gene pool in breeding programs for developing new resistant lines for rice cultivation in Africa.

104a - Improving yield stability in lupin – breeding for anthracnose resistance

Ruge-Wehling, B.¹, Fischer, K.¹, Dieterich, R.², Rotter, B.³, Winter, P.³, Wehling, P.¹

¹Julius Kühn-Institut, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute for Breeding Research on Agricultural Crops, Groß Lüsewitz, Germany, brigitte.ruge-wehling@julius-kuehn.de

²Saatzucht Steinach GmbH & Co. KG, Bocksee, Germany,

³GenXPro GmbH, Frankfurt/Main, Germany

Anthraknose, caused by the fungus *Colletotrichum lupini*, represents the most important disease in lupin cultivation worldwide. To obtain high and stable yields it is necessary to plant resistant cultivars as there are no possibilities to overcome the fungus via pesticides. Sets of plant genetic resources of sweet narrow-leafed and yellow lupin were assessed in their susceptibility to anthracnose. In both lupin species breeding lines were identified which displayed a qualitative resistance, each governed by a dominant gene as revealed by genetic analyses of segregating F₂ families and their F₃ progenies. Field tests performed over six environments (2 locations, 3 years) with the resistant narrow-leafed lupin line confirmed its high and stable level of anthracnose resistance. The underlying gene was designated *LanrBo*. Different resources were used in narrow-leafed lupin for developing molecular markers for the resistance, namely, (I) anchor markers already mapped in *L. angustifolius*, (II) sequence information drawn from model genomes and (III) sequence information from differentially expressed *L. angustifolius* cDNA derived from RNA-Seq. Linkage analysis allowed us to locate *LanrBo* into linkage group NLL-11. Two flanking markers resulted in a marker bracket with a joint recombination of less than 0.2 %. The two marker are integrated in breeding programmes.

105 - Identifizierung von Rapsgenotypen mit quantitativer Resistenz gegen *Sclerotinia sclerotiorum*

Identification of Oilseed Rape (B. napus) Genotypes Obtaining Quantitative Disease Resistance against Sclerotinia sclerotiorum

Antonia Wilch, Kerstin Höch, Xiaorong Zheng, Andreas von Tiedemann

Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung für Allgemeine Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen, antonia.wilch@agr.uni-goettingen.de

Sclerotinia sclerotiorum (Lib.) de Bary ist ein weltweit präsent Pathogen mit einem großen Wirtsspektrum. Im Raps verursacht der Pilz Weißstängeligkeit, die zu bedeutenden Schäden und Ertragseinbußen führen kann. Das durchschnittliche Resistenzniveau in zugelassenen Sorten ist derzeit relativ niedrig. In den hier beschriebenen Arbeiten sollen zunächst Quellen quantitativer Resistenz im Brassica-Genpool gesucht und anschließend mögliche relevante Resistenzmechanismen beschrieben werden.

Für die Identifizierung von Resistenzquellen wird ein Set aus 198 Genotypen von *Brassicaceae* untersucht, welches Winter- und Sommerraps, sowie chinesische Sorten, Steckrübe und Kohl enthält. Nach künstlicher Stängelinokulation (BBCH 62) wird das Längenwachstum der Stängelläsionen bonitiert. Für die weiterführenden Untersuchungen der Mechanismen der quantitativen Resistenz wurden Loras (anfällig) und Zhongyou 821 (moderat resistent) ausgewählt. Das befallene Stängelgewebe wird hinsichtlich Stressindikatoren, Resistenzinduktoren, Phenolen und Lignin untersucht. So konnte bereits eine negative Korrelation zwischen der relativen Läsionslänge und dem Wachstum des Pathogens im Stängel (DNA-Gehalt) zum Pektingehalt festgestellt werden. Außerdem

konnte gezeigt werden, dass der Gehalt an H_2O_2 im anfälligen Genotyp stärker ansteigt als im resistenten, was auf eine höhere Stressreaktion zurückzuführen ist. Die Genexpression im Phenolpropanoidsyntheseweg weist ebenfalls auf unterschiedliche Reaktionen der Genotypen und daraus resultierende Lignifizierung hin. Im Folgenden soll daher ermittelt werden, ob die Lignifizierung des Stängels als Resistenzmechanismus im resistenten Genotyp intensiver ist als im anfälligen. Dabei wird sowohl der Ligningehalt als auch die Zusammensetzung bestimmt. Im selben Zusammenhang soll die Rolle der Salicylsäure hinsichtlich der Signaltransduktion und der systemisch induzierten Resistenz genauer analysiert werden. Die Ergebnisse sollen zudem Aufschluss darüber liefern, ob im Phenylpropanoidsyntheseweg die Bildung von Lignin und Salicylsäure miteinander konkurrieren.

Literatur

- CHUANFU, A., M. ZHONGLIN, 2011: Salicylic Acid and its Function in Plant Immunity. J. Integr. Plant. Biol. 53 (6), 412-428.
- FOSTER, C. E., T. M. MARTIN, M. PAULY, 2010: Comprehensive Compositional Analysis of Plant Cell Walls (Lignocellulosic biomass) Part I: Lignin. J. Vis. Exp. 37, e1745.
- ULOTH, M. B., P. L. CLODE, M. P. YOU, M. J. BARBETTI, 2015: Attack modes and defence reactions in pathosystems involving *Sclerotinia sclerotiorum*, *Brassica carinata*, *B. juncea* and *B. napus*. Ann. Bot. 117 (1), 79-95.
- VLOT, A. C., M. A. DEMPSEY, D. F. KLESSING, 2009: Salicylic Acid, a Multifaceted Hormone to Combat Disease. Annu. Rev. Phytopathol. 47, 177-206.

106 - Untersuchungen zur Resistenz ausgewählter Kartoffelsorten gegen *Rhizoctonia solani*

Research into Rhizoctonia solani resistance in selected potato cultivars

Kerstin Lindner¹, Bernd Truberg², Lars Bangemann³, Alexander Braun⁴, Franziska Genzel⁵, Rita Grosch⁵

¹Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, kerstin.lindner@julius-kuehn.de

²NORIK A Nordring- Kartoffelzucht- und Vermehrungs- GmbH

³SaKa Pflanzenzucht GmbH

⁴Boehm-Nordkartoffel Agrarproduktion OHG

⁵Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau

Der pilzliche Schaderreger *Rhizoctonia solani* tritt im Kartoffelbau weltweit auf. Durch den regional zunehmenden Befallsdruck und die erhöhten Anforderungen an die äußere Qualität der Kartoffelknolle, gewinnen die durch *R. solani* bedingten optischen Mängel an Bedeutung und der Druck auf die Landwirte, sie zu reduzieren, steigt. Bis heute konnte keine Maßnahme entwickelt werden, die den Erreger nachhaltig kontrolliert. Von einer Minderung des Befallsrisikos mit *R. solani* kann durch Beizung ausgegangen werden, wobei die Wirkung stark streut. Acker- und pflanzenbauliche Maßnahmen zur Befallsreduzierung sollten berücksichtigt werden. Angaben zur Anfälligkeit von Kartoffelsorten des deutschen Sortiments gegenüber *R. solani* für die Sortenwahl fehlen jedoch derzeit völlig. Ziel des Projekts im Rahmen der Innovationsförderung des BMEL ist es, eine Methode zur Ermittlung der Widerstandsfähigkeit von Kartoffelsorten gegenüber *R. solani* zu entwickeln. Dazu werden sowohl molekularbiologische Untersuchungen als auch Arbeiten zur Optimierung von Bioassays durchgeführt. Die Ergebnisse werden zu Bewertungen der Empfindlichkeit von Sorten im Feld in Bezug gesetzt. Als Bewertungskriterium ist der Anteil Sklerotien auf der Knollenoberfläche verwendet worden. Zudem wurde der Umfang deformierter Knollen und das Auftreten von Dry Core ermittelt. Im Rahmen dreijähriger Versuche konnte keine Sorte des deutschen Sortiments herausgearbeitet werden, die eine

deutliche Resistenz gegenüber dem Erreger aufweist. Anhand der Ergebnisse der Feldversuche, evaluiert durch Gewächshausprüfungen, deuten sich jedoch graduelle Unterschiede in der Widerstandsfähigkeit der Kartoffelsorten gegenüber *R. solani* an.

107 - Pathotypenanalyse und Resistenzscreening im Wirt-Parasit-System *Vicia faba* / *Ascochyta fabae*

Pathotype analysis and resistance screening in the host-pathogen-system Vicia faba / Ascochyta fabae

Stefanie Remer, Wolfgang Link, Birger Koopmann

Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften,
stefanie.remer@gmx.de

Ascochyta fabae (teleomorph: *Didymella fabae*) zählt zu den bedeutsamsten Pathogenen im Ackerbohnenanbau (JELLIS & PUNITHALINGAM 1991, MUEHLBAUER & CHEN 2007). Der Pilz ist der Erreger der Brennfleckenkrankheit und befällt den Blattapparat, den Stängel und die Hülsen und kann über den Samen übertragen werden (JELLIS & PUNITHALINGAM 1991). Nach Befall mit *A. fabae* bilden sich zunächst grau-braune, scharf abgegrenzte Läsionen. Auf diesen kann es zu einer Bildung von Pyknidien kommen, welche die Sporen zur Neuinfektion enthalten.

Ziel der durchgeführten Untersuchungen war es, verschiedene *A. fabae*-Isolate an einem kleinen Set von Winterackerbohnen-Genotypen auf ihre Differentialreaktion zu testen. Es wurden 56 Isolate, die von mit *A. fabae* befallenen Blättern verschiedener Ackerbohnen-Genotypen aus Göttingen und Hohenlieth stammten, an den vier Winterackerbohnen-Genotypen 29H, Clipper, Hiverna/2 und S₅₄ unter kontrollierten Bedingungen auf ihre Virulenz geprüft. Diese Genotypen wurden gewählt, da sie sich in vorangegangenen Untersuchungen als resistent bzw. anfällig gegenüber der Brennfleckenkrankheit erwiesen haben. Die Inokulation erfolgte im Vier- bis Fünfblattstadium nach Verletzung der Blätter mit einer Nadel durch Aufpipettieren eines Sporensuspensionstropfens der Menge 10 µl mit einer Konzentration von 1×10^6 Sporen/ml. Zu acht Zeitpunkten (6, 10, 13, 17, 20, 24, 27, 31 dpi) wurde die Boniturnote erfasst sowie die Läsionsfläche ermittelt.

Es ergaben sich sowohl signifikante Unterschiede bezüglich der Anfälligkeit zwischen einzelnen Genotypen als auch bezüglich der Virulenz zwischen verschiedenen Isolaten.

Nach Auswertung der Ergebnisse der Genotypen im Mittel über alle Isolate bezogen auf die Merkmale Boniturnoten und Läsionsflächen zum Abschlussboniturermin sowie AUDPC konnten die Genotypen 29H und Clipper als resistenter gegenüber den Genotypen Hiverna/2 und S₅₄ charakterisiert werden. Bezüglich des Merkmals Boniturnote unterschieden sich mit Ausnahme der Genotypen 29H und Clipper, alle Genotypen signifikant voneinander ($\alpha=0,05$). Bei dem Merkmal Läsionsfläche unterschieden sich nur die resistenten von den anfälligen Genotypen signifikant voneinander ($\alpha=0,05$). Bezogen auf das Merkmal AUDPC unterschieden sich alle Genotypen signifikant voneinander ($\alpha=0,05$).

Die Isolate differenzierten zum Teil stark in ihrer Wirkung auf denselben Genotyp. Zudem stellte sich eine differenzierte Genotyp-Isolat-Interaktion heraus.

In einem anschließenden Versuch sollen anhand der Ergebnisse dieser Untersuchungen zwei Pathogenvarianten mit unterschiedlicher Pathogenität erstellt und an einem kleinen Set anderer Winterackerbohnen-Genotypen auf ihre Differentialreaktionen geprüft werden.

Literatur

JELLIS, G. J., E. PUNITHALINGAM, 1991: Discovery of *Didymella fabae* sp. nov., the teleomorph of *Ascochyta fabae*, on faba bean straw. *Plant Pathol.* 40, 150-157.

MUEHLBAUER, F. J., W. CHEN, 2007: Resistance to ascochyta blights of cool season food legumes. *Eur. J. Plant Pathol.* 119, 135-141.

108 - *Bremia lactucae* an Salat- Erregervielfalt und Auswirkung auf die Sortenanfälligkeit



Bremia lactucae on lettuce – diversity of the pathogen and impact on the susceptibility of varieties

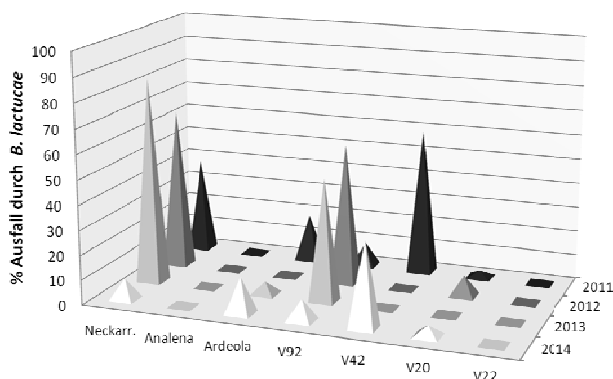
Ute Gärber¹⁾, Ulrike Behrendt²⁾

DOI 10.5073/jki.poster.2016.004

¹⁾ Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst, ute.gaerber@julius-kuehn.de

²⁾ Oldendorfer Saatzucht

Der Erreger *Bremia lactucae* ist äußerst variabel und bildet eine Vielzahl an physiologischen Rassen. Derzeit sind 32 Rassen offiziell gelistet. Darüber hinaus kommen lokal unzählige weitere Erregerformen vor, die sich in ihren Virulenzfaktoren unterscheiden und ebenso wie die gelisteten Rassen hoch aggressiv sind. Am JKI wurden in einem, durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft im Rahmen des Bundesprogramms Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft (BÖLN) geförderten Projekt die Virulenzen von *B. lactucae* an vier Standorten in Deutschland untersucht. Insgesamt wurden von 2011 bis 2014 104 Einsendungen bearbeitet, von denen 92 Isolate erfolgreich hochvermehrt wurden. Die Virulenzen wurden anhand eines Differentialsortimentes bestimmt, das für die Untersuchungen vom IBEB (International Bremia Evaluation Board) bereitgestellt wurde. Von den 92 untersuchten Isolaten konnten auf dem EU-B Testpflanzensortiment 64 Erregerformen von *B. lactucae* differenziert werden. An Standorten mit intensivem Salatanbau wies der Erreger ein breites Virulenzspektrum auf. Auch wurden lokal gravierende Veränderungen im Virulenzspektrum von einem Jahr zum anderen nachgewiesen. Das kann ein verändertes Resistenzverhalten von Sorten gegenüber Falschem Mehltau zur Folge haben. Bei optimalen Entwicklungsbedingungen für den Pilz sind Kopfsalate mit vorrangig monogenen Resistenzen in diesen Anbauregionen besonders stark gefährdet. Aufgrund des sich ständig



anpassenden Erregers werden monogene, rassenspezifische Resistenzen immer wieder und

immer schneller durchbrochen. Bataviasalate, die polygen bedingte Resistenzen aufweisen, zeigten sich weitaus widerstandsfähiger und sind in diesen Regionen insbesondere für den Herbstanbau besser geeignet.

Pflanzenausfälle durch *B. lactucae* in % bei Kopfsalaten (Ardeola, V92, V42) und Batavia (V20, V22) im Vergleich zur anfälligen (Neckarriesen) und resistenten (Analena) Standardsorte am Standort Holste 2011 - 2014

109 – ‚Chinesische Slange‘ vs. ‚Agnes‘ – Die Sorte macht den Unterschied???

‘Chinesische Slange’ vs. ‘Agnes’ – the cultivar makes the difference???

Andrea Scherf, Elisabeth Bayer, Tobias Schneider, Astrid von Galen, Annegret Schmitt

Julius Kühn-Institut, Institut für Biologischen Pflanzenschutz, Darmstadt, andrea-scherf@julius-kuehn.de

Die Nachfrage an ökologisch produziertem Obst und Gemüse wächst stetig. Dies rückt den Fokus zunehmend auf die Entwicklung Bio-kompatibler Strategien zur Regulierung von Krankheitserregern an Kulturpflanzen. Ein Hauptaugenmerk dieser Bemühungen liegt in der Suche nach alternativen Pflanzenschutzmitteln, z. B. zum Ersatz von Kupferpräparaten, wie im EU-Projekt CO-FREE. Geeignete Mittel für den ökologischen Anbau sind verschiedenen Ursprungs (z.B. tierisch, mikrobiell, mineralisch und pflanzlich) und haben unterschiedliche Wirkungsweisen (z.B. als Fungizide, Herbizide und Resistenzinduktoren).

Ein weiterer wichtiger Aspekt ist die Kultivierung resistenter Sorten (hier am Beispiel Gurke), die sich in der Ausprägung spezifischer Merkmale (Ertrag, Habitus, Resistenz gegen Schaderreger, Toleranz gegenüber Stressfaktoren) oft erheblich unterscheiden.

In den Versuchen von Scherf et al. (2012) wurden Extrakte aus Blättern von Süßholz (*Glycyrrhiza glabra*) gegen *Pseudoperonospora cubensis*, den Erreger des Falschen Mehltaus an Gurken (cv. ‘Chinesische Slange’) erfolgreich getestet. Zudem wurden Hinweise auf verschiedene Wirkungsmechanismen einzelner Extraktfraktionen gefunden (Volleextrakt (P1) und Fraktion 6 = Kombination aus direkter fungizider Wirkung und Induktion von Abwehrmechanismen / erhöhte Stresstoleranz in der Pflanze; Fraktion 4 = Induktion von Abwehrmechanismen in der Pflanze) (Scherf et al. 2012).

In nachfolgenden Versuchen zeigte sich u.a., dass mit dem Volleextrakt und seinen Fraktionen an der gegenüber *P. cubensis* toleranten Gurkensorte (cv. ‘Agnes’) sehr viel schlechtere Wirkungsgrade erzielt werden konnten als an der anfälligen Sorte ‘Chinesische Slange’. An Hand der im Poster vorgestellten Versuche wird der Frage nachgegangen, inwieweit die Sortenwahl bei der Testung von potentiellen alternativen Pflanzenschutz- oder Stärkungsmitteln eine Rolle spielt. Das Poster zeigt verschiedene Ergebnisse zu dem Themenkomplex.

Es ist davon auszugehen, dass die Wahl der Sorte der Wirtspflanze bei der Beurteilung der Wirksamkeit und bei der Untersuchung der Wirkungsweisen von potentiellen alternativen Pflanzenschutz- / Stärkungsmitteln zu berücksichtigen ist.

Die Arbeiten erfolgten teilweise in dem Projekt CO-FREE (Projektnr. 289497; www.co-free.eu), das von der Europäischen Union unter dem 7. Rahmenprogramm gefördert wurde.

Literatur:

SCHERF, A., TREUTWEIN, J., KLEEBERG, H., SCHMITT, A., 2012: Efficacy of leaf extract fractions of *Glycyrrhiza glabra* L. against downy mildew of cucumber (*Pseudoperonospora cubensis*). Eur. J. Plant Pathol. **134**, 755–762.

111 - Untersuchung potentieller Selektionskriterien zur Verbesserung der Widerstandsfähigkeit von Weinbeeren gegen Kirschessigfliegenbefall (*Drosophila suzukii*)

*Searching for feasible selection criteria for the improvement of grape resistance against spotted wing drosophila (*Drosophila suzukii*) infestation*

Andrea Hecht¹, Katja Herzog¹, Florian Schwander¹, Christoph Hoffmann², Reinhard Töpfer¹

¹Julius Kühn Institut, Institut für Rebenzüchtung, Siebeldingen, andrea.hecht@julius-kuehn.de

²Julius Kühn Institut, Institut für Pflanzenschutz in Obst- und Weinbau, Siebeldingen

Die Weibchen der asiatischen Kirschessigfliege, *Drosophila suzukii*, besitzen einen Ovipositor, mit dem intakte Beerehäute (z.B. Beeren der Sorte 'Dornfelder') durchstoßen und Eier in die gesunde Frucht abgelegt werden können. Im Wein- und Ertragsobstbau ist dies besonders problematisch. Die Fliegen befallen dort die reifen Früchte, welche kurz vor der Ernte stehen und bei denen eine Anwendung von Pflanzenschutzmitteln nicht mehr zulässig ist. Die entwickelten Larven, die sich vom Fruchtfleisch ernähren, sowie die durch die Eiablage entstandene Verletzung, welche als Eintrittspforte wie Essigsäurebakterien und Pilze (insbesondere *Botrytis cinerea*) dient, führen zu erheblichen Ertragseinbußen.

Eine dicke, undurchlässige und somit platzfeste Beerenhaut ist beschrieben als ein besonders wichtiges Merkmal für die Rebenzüchtung zur Erhöhung der Widerstandsfähigkeit von Trauben gegenüber *B. cinerea*. Es wird angenommen, dass die Beerenhaut ebenfalls eine präformierte Barriere gegen den Kirschessigfliegenbefall darstellt.

Für die Entwicklung genetischer Marker sollen QTL (Quantitative Trait Loci) – Berechnungen durchgeführt werden. Hierfür werden folgende Eigenschaften der Beerenhaut anfälliger und unanfälliger Sorten, sowie von Züchtungsmaterial untersucht:

- Beerenhautdicke (Anzahl Zellschichten, Dicke der Zellschichten; Lichtmikroskopie),
- Penetrationswiderstand der Beere (Fruchtfestigkeit; Texturmessung),
- Impedanz der Kutikula (Dicke und Permeabilität; I-Sensor).

Es wurden erste, vorläufige QTLs für die Beerenhautdicke, sowie die Fruchtfestigkeit identifiziert.